

# Prävalenz ausgewählter Infektionserreger bei Neuweltkameliden in Deutschland

Eva-Maria Bartl<sup>1</sup>, Lisa Ulrich<sup>1</sup>, Stefanie Barth<sup>2</sup>, Christian Berens<sup>2</sup>, Christiane Schnee<sup>2</sup>, Heike Köhler<sup>2</sup>, Christian Seyboldt<sup>3</sup>, Ines Dost<sup>3</sup>, Dennis Rubbenstroth<sup>4</sup>, Hermann Willems<sup>5</sup>, Christian Menge<sup>2</sup>, Henrik Wagner<sup>1</sup>

- 1 Klinik für Geburtshilfe, Gynäkologie und Andrologie der Groß- und Kleintiere  
 Klinikum Veterinärmedizin, Justus-Liebig-Universität Gießen  
 2 Institut für molekulare Pathogenese, Friedrich-Loeffler-Institut Jena  
 3 Institut für bakterielle Infektionen und Zoonosen, Friedrich-Loeffler-Institut Jena  
 4 Institut für Virusdiagnostik, Friedrich-Loeffler-Institut, Greifswald / Insel Riems  
 5 Labor der Klinik für Schweine, Klinikum Veterinärmedizin, Justus-Liebig-Universität Gießen

**Kontakt: Neuweltkameliden-Projekt**  
 Tel.: +49 641 9938736  
 Fax: +49 641 9938739  
 E-Mail: projekt@nwk-verein.de  
 Homepage: www.nwk-projekt.de



## Hintergrund

Neuweltkameliden (NWK) erfreuen sich in den letzten Jahren immer größerer Beliebtheit. Aufgrund der derzeit mangelnden Verfügbarkeit von labordiagnostischen Testverfahren für NWK, ist ihre Bedeutung als Reservoir für (seuchenhygienisch) relevante Infektionserreger in Deutschland weitgehend unerforscht. Die Empfänglichkeit von NWK für einige „emerging diseases“ wurde jedoch in Europa bereits vereinzelt nachgewiesen. Hinsichtlich des engen Kontakts zum Menschen stellt die Nutzung von NWK als Trekking-Tiere und bei der tiergestützten Therapie zusätzlich ein potentielles Übertragungsrisiko von Zoonosen dar. Zwischenergebnisse aus einem bundesweiten Forschungsprojekt geben nun erste Hinweise auf die Bedeutung einzelner Infektionserreger bei NWK.

## Methoden

Bei 298 NWK (> 2 Jahre) aus 2 deutschen Lama- und 5 Alpakabetrieben sowie 3 Betrieben mit gemischten Herden (Bestandsgröße: 23-301 NWK; 1-2 Beprobungszeitpunkte pro Betrieb) wurden von April 2021 bis April 2022 Blut- und Kotproben genommen und auf (seuchenhygienisch) relevante Infektionserreger untersucht. Aufgrund von unterschiedlichen Betriebsgrößen wurden Tiere doppelt beprobt (0-20 NWK pro Betrieb). Bei der Datenauswertung wurden diese Tiere nur einmal gezählt.

Infektionserreger	Probenmaterial	Ergebnisse			Herdenprävalenz (HP) %	Anmerkung	Methode und Untersuchungslabor
		n / Einzeltierprävalenz %					
		NWK	Lama	Alpaka			
<i>Mycoplasma haemolamae</i>	Serum	295 / 31,2	98 / 42,9	197 / 25,4	100		PCR, Labor der Klinik für Schweine, JLU Gießen
<i>Chlamydia spp.</i>	Kot	295 / 26,8	100 / 28	195 / 26,2	80	17,7 % <i>Chl. pecorum</i> (HP 40 %) 58,2 % <i>Chl. suis</i> (HP 80 %) 2x Doppelinfektion	rtPCR, IMP FLI Jena
	Serum	292 / 13,4	-	-	80		ELISA (IDEXX Chlamydiosis Total Ab Test®), IMP FLI Jena
<i>Chl. abortus</i>	Serum	136 / 0	-	-	0		ID Screen® Chlamydia abortus, IMP FLI Jena
<i>M. avium ssp. paratuberculosis</i> *	Kot	294 / 0	98 / 0	196 / 0	0		qPCR, IMP FLI Jena
		218 / 0,5	81 / 1,2	137 / 0	10		Kultur, IMP FLI Jena
Shigatoxin-bildende <i>E. coli</i>	Kot	294 / 30,3	97 / 33	197 / 28,9	100		Gen-PCR, IMP FLI Jena
<i>Clostridium perfringens</i> *	Kot	194 / 10,8	69 / 10,1	125 / 11,2	80	100 % Typ A (α-Toxin-Gen) ein Isolat mit β2-Toxin-Gen	Kultur, PCR, IBIZ FLI Jena
<i>Clostridium difficile</i> *	Kot	194 / 1	69 / 1,6	125 / 0	10		Kultur, PCR, IBIZ FLI Jena
<i>Borna disease virus 1 – Titer</i>	Serum	298 / 0,7	101 / 2	197 / 0	20	Indirekter Erregernachweis	iIFT, IVD FLI Greifswald / Insel Riems

\* = Untersuchungen der Proben des 2. Beprobungszeitpunktes noch nicht abgeschlossen  
 n = Anzahl untersuchter Tiere; *Chl.* = *Chlamydia*; *spp.* = species; *ssp.* = subspecies; *M.* = *Mycobacterium*; *E.* = *Escherichia*

## Schlussfolgerungen

Trotz eingeschränkter Repräsentativität der Stichprobe lässt sich aus den Ergebnissen dieser ersten Auswertung erkennen, dass *Mycoplasma haemolamae* und Shigatoxin-bildende *E. coli* sowie Chlamydien und *Clostridium perfringens* Typ A bei NWK weit verbreitet sind. *M. avium ssp. paratuberculosis*, *Clostridium difficile* und Borna disease virus 1 konnten mit geringer Einzeltierprävalenz nachgewiesen werden. Um jedoch eine valide Risikoeinschätzung durchführen zu können, sind größere Stichproben, umfassende Daten zum Gesundheitsstatus sowie zuverlässige Zahlen zur Populationsgröße und zum Tierverkehr notwendig. Erweiterte Datensätze werden am Ende der Projektlaufzeit verfügbar sein.

Gefördert durch



Projekträger



aufgrund eines Beschlusses des Deutschen Bundestages

\* Das Projekt ist Teil der Modell- und Demonstrationsvorhaben (MuD) Tierschutz in der Projektphase Wissen – Dialog – Praxis. Die Förderung MuD Tierschutz erfolgt aus Mitteln des Bundesministeriums für Ernährung und Landwirtschaft (BMEL) aufgrund eines Beschlusses des deutschen Bundestages. Die Projekträgerschaft erfolgt über die Bundesanstalt für Landwirtschaft und Ernährung (BLE). Förderkennzeichen 2819MDT180.